



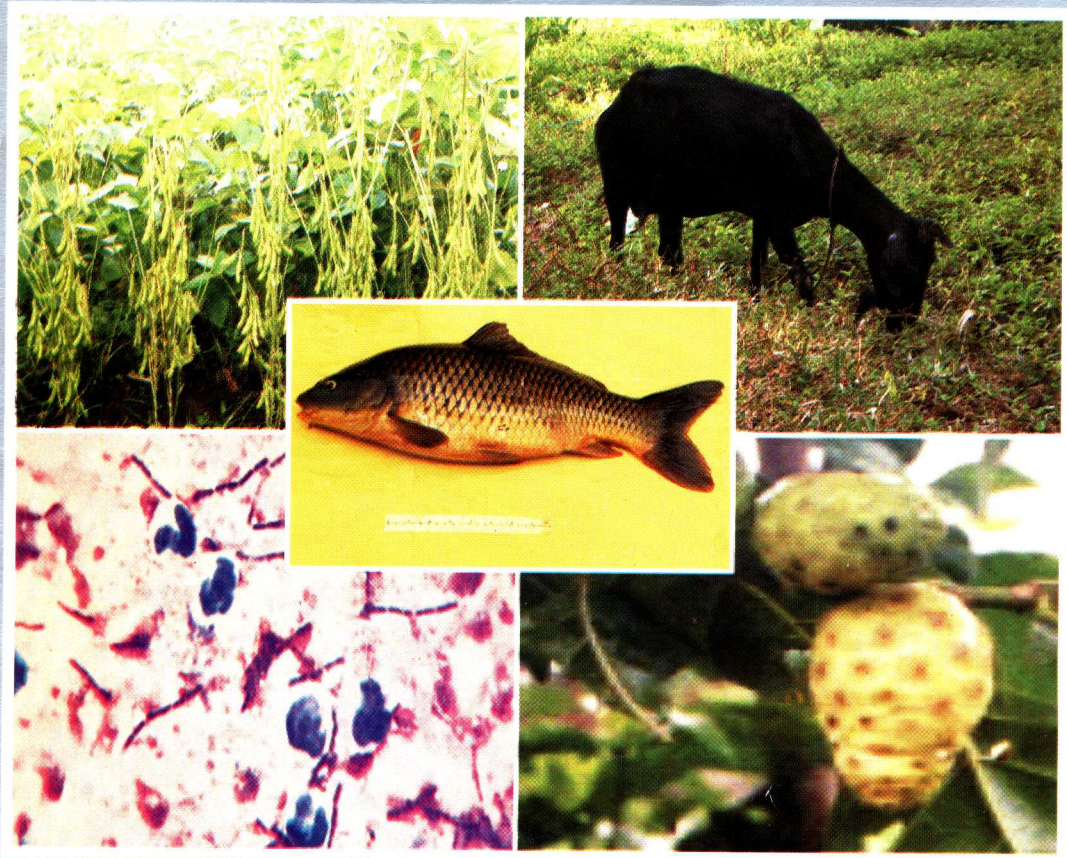
256
13/105
/40

ISSN 1410-4377

Buletin

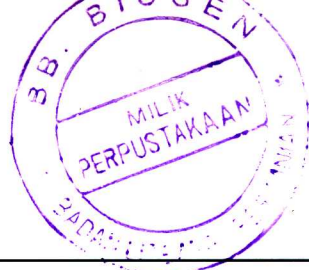
Plasma Nutfah

Volume 8 Nomor 2 Tahun 2002 (Edisi Khusus)



Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian
Departemen Pertanian

256
13/05 WING NO. 159
/10



ISSN 1410-4377

Buletin

Plasma Nutfah

Volume 8 Nomor 2 Tahun 2002
(Edisi Khusus)

Penanggung Jawab
Ketua Komisi Nasional Plasma Nutfah
Kusuma Diwyanto

Dewan Redaksi
Sugiono Moeljopawiro
Surahmat Kusumo
Maharani Hasanah
Subandriyo

Redaksi Pelaksana
Husni Kasim
Hermanto
Ida N. Orbani

Alamat Redaksi
Sekretariat Komisi Nasional
Plasma Nutfah
Jalan Tentara Pelajar 3A Bogor 16111
Telp/Faks. (0251) 327031
E-mail: genres@indo.net.id

Buletin ilmiah *Plasma Nutfah*
diterbitkan oleh Badan Penelitian dan
Pengembangan Pertanian secara
berkala, dua kali setahun, memuat
tulisan hasil penelitian dan tinjauan
ilmiah tentang eksplorasi, konservasi,
karakterisasi, evaluasi, dan utilisasi
plasma nutfah tanaman, ternak, ikan,
dan mikroba yang belum pernah
dipublikasi di media lain.

Daftar Isi

Penggunaan Bioteknologi dalam Pemanfaatan dan Pelestarian Plasma Nutfah Tumbuhan untuk Perakitan Varietas Unggul	<i>Sumarno</i>	51
Pemanfaatan dan Pelestarian Plasma Nutfah untuk Meningkatkan Produktivitas Perikanan Budi Daya	<i>Fatuchri Sukadi</i>	58
Aspek Pendanaan dalam Pemberdayaan Plasma Nutfah	<i>Ato Suprpto</i>	66
Keanekaan Hayati dan Potensi Bioteknologi Mikroorganisme: Seberapa Jauh Kita Mengenalnya?	<i>Antonius Suwanto</i>	72
Pemanfaatan Plasma Nutfah dalam Industri Obat-obatan	<i>James M. Sinambela</i>	78
Pemanfaatan Plasma Nutfah dalam Industri Jamu dan Kosmetika Alami	<i>Heru D. Wardana</i>	84
Implementasi Sistem Hak Kekayaan Intelektual (HKI) pada Pengelolaan Plasma Nutfah	<i>Krisnani Setyowati</i>	90
Pengaturan Akses terhadap Plasma Nutfah dan Pembagian Keuntungan secara Adil dan Merata	<i>Soenartono Adisoemarto</i>	102

Gambar sampul:
Kedelai (*Glycine max*) varietas Sinabung
Kambing Costa
Mengkudu (*Morinda citrifolia* L.)
Koloni kuman/bakteri *Bacillus anthracis* dalam darah
Ikan Mas (*Cyprinus carpio*) strain Rajadanu



**Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian
Departemen Pertanian**

Keanekaan Hayati dan Potensi Bioteknologi Mikroorganisme: Seberapa Jauh Kita Mengenalnya?

Antonius Suwanto

Institut Pertanian Bogor

ABSTRACT

Microorganism evolution has been happened as old as the earth planet, the diversity of their metabolism are possible as the consequences of the living things reflection on earth. Eventhough the microorganisms fosile generally are difficult to be characterized, and most of microorganisms in the viable but non-cultureable condition. The sequence analysis of 16S- or 18S-rRNA are very helpful in the characterization and conducting of the inter relationship of all the living cellulair on earth, including microorganisms which live on and in an environment but yet and not yet cultured in the laborotorium. The universal phylogenetic which was constructed from comparing 16S- and 18S-rRNA sequences shown three living domain archaea, bacteria, and eukaryote. Even both the archaea and bacteria are prokaryotic organisms and shown the bacteria morphology characteristic, but the inter relationship of archaea is closer to eukaryotic than to the bacteria. This molēcular analysis shows that prokaryotic is ranked in the second of the three living domain. Ironically, we only know 3-5% of the total living microorganisms. The reasons are because we only trace the biodiversity of micoorganisms which viable in the laboratorium, and not the diversity of the microorganisms which live in the nature. Besides, the diversity analysis are very limited to the morphology and physiology characters. The advance biology molecular technique such as DNA sequencing and PCR and its derivative, and situ DNA hybridization analysis are make possible to trace the biodiversity of microorganisms in their habitats. On its turn, a good knowledge on biodiversity will help in understanding of agriculture, biomedic, industries, biosfer health, as well as understanding on the origins of living.

Key words: Biodiversity, biotechnology potency, microorganisms.

ABSTRAK

Evolusi mikroorganisme telah berlangsung hampir setua sejarah bumi, sehingga keragaman metabolismenya yang luar biasa sangat mungkin sebagai konsekuensi dari refleksi sejarah kehidupan di bumi. Meskipun demikian, fosil mikroorganisme pada umumnya sulit dikarakterisasi dan sebagian besar mikroba di alam berada dalam kondisi *viable but non-culturable*. Oleh karena itu, analisis sekuen 16S- atau 18S-rRNA sangat membantu dalam mengkarakterisasi dan menentukan hubung-

an kekerabatan antarsemua bentuk kehidupan selular di bumi, termasuk mikroorganisme yang ada dan hidup pada suatu lingkungan tetapi belum atau tidak dapat dikulturkan di laboratorium. Pohon filogenetik universal yang dikonstruksi dari perbandingan sekuen 16S- dan 18S-rRNA menampilkan tiga domain kehidupan archaea, bacteria, dan eukarya. Walaupun archaea dan bacteria keduanya merupakan organisme prokariotik dan menampilkan karakteristik morfologi bakteri, namun hubungan kekerabatan archaea tampaknya lebih dekat ke eukarya dibandingkan dengan bacteria. Analisis molekuler ini menunjukkan bahwa prokariot menempati dua dari tiga domain kehidupan. Ironisnya, kita hanya mengenal sebagian kecil (hanya 3-5%) saja dari keseluruhan bentuk kehidupan ini. Hal ini antara lain disebabkan, antara lain, karena selama ini kita hanya pelacak keragaman jasad renik dari apa yang dapat tumbuh di laboratorium, bukan dari apa yang terdapat di lingkungan alaminya. Selain itu, analisis keragaman ini pun hanya didasarkan pada sejumlah sifat morfologi dan fisiologi yang sangat terbatas. Perkembangan teknik biologi molekuler, seperti DNA sequencing, PCR dan teknik turunannya, serta analisis hibridasi DNA *in situ*, telah memungkinkan kita untuk melacak lebih jauh biodiversitas mikroba di berbagai habitatnya. Pada gilirannya, pengetahuan yang baik mengenai biodiversitas akan sangat berguna untuk dapat memanfaatkannya dalam bidang pertanian, industri, biomedis, kesehatan biosfer, maupun untuk lebih memahami asal-usul kehidupan.

Kata kunci: Keanekaragaman hayati, potensi bioteknologi, mikroorganisme.

PENDAHULUAN

Dari pelajaran biologi umum diketahui bahwa tanaman padi lebih sekerabat dengan jagung dibandingkan dengan kedelai. Hal ini antara lain didasarkan pada sifat bijinya. Padi dan jagung sama-sama berkeping satu (monokotil), sedangkan kedelai bijinya berkeping dua (dikotil). Pengelompokan berdasarkan keping biji ini sangat berguna untuk klasifikasi tumbuhan, khususnya *Angiospermae*. Demikian pula pada klasifikasi hewan, ikan paus lebih sekerabat dengan manusia dibandingkan dengan ikan hiu, karena ikan paus dan manusia sama-sama tergolong mamalia, yang berbeda dengan ikan hiu.

Sifat keping biji dan ada tidaknya kelenjar susu dapat menjadi kriteria klasifikasi organisme dalam kelompoknya. Kriteria tersebut tidak dapat menerangkan atau menjawab pertanyaan mengenai klasifikasi yang sifatnya universal. Misalnya, manakah yang lebih sekerabat, padi dengan manusia atau padi dengan ikan hiu? Jelaslah bahwa penampilan morfologi yang hanya dimiliki kelompok tertentu tidak akan mampu menjawab pertanyaan tersebut, yang lebih universal dan lebih mengarah pada klasifikasi filogenetik, yaitu pengelompokan organisme berdasarkan kedekatan jarak evolusinya. Selain itu, sistem hidup makhluk berdasarkan morfologi dan fisiologi telah melahirkan konsep Lima Dunia (*whittaker*), yang selain tidak mampu menjelaskan kriteria yang dipakai untuk pengelompokan Dunia Protista juga telah memberikan persepsi yang sangat *underestimate* mengenai keragaman mikroorganisme.

Untuk menentukan kekerabatan evolusi antar-spesies dalam keseluruhan sistem biologi diperlukan parameter yang dapat memenuhi persyaratan sebagai berikut (i) terdapat pada semua jenis makhluk hidup, (ii) fungsinya identik, (iii) dapat dibandingkan secara obyektif, dan (iv) berubah sesuai dengan jarak evolusinya sehingga dapat dijadikan kronometer evolusi yang andal.

RNA RIBOSOM SEBAGAI KRONOMETER EVOLUSI

Semua sel melakukan biosintesis protein, sehingga piranti untuk proses translasi termasuk komponen sel yang sudah kuno. Dengan kata lain, komponen untuk biosintesis protein paling tidak sudah ada sejak terbentuknya sel primitif yang mampu melakukan translasi. Oleh karena itu, piranti biosintesis protein dapat digunakan untuk parameter dalam sistem molekuler atau penelusuran filogeni universal. Salah satu piranti dalam proses translasi adalah ribosom, yang merupakan supra molekul yang terdiri dari protein dan RNA ribosom (rRNA).

Pada prokariot, termasuk kloroplas dan mitokondria, terdapat tiga macam rRNA, yaitu 5S, 16S, dan 23S. rRNA 16S dan 23S masing-masing dengan panjang sekitar 1500 dan 3000 nukleotida dan mempunyai beberapa daerah yang sekuennya kon-

servatif (tidak banyak berubah dari satu organisme ke organisme lainnya). Daerah sekuen yang konservatif dan unik dapat digunakan untuk pencirian kelompok organisme yang bersangkutan, sehingga menjadi sekuen tanda tangan (*signature sequence*). Daerah-daerah pada rRNA yang bersifat mudah berubah (*variabel sequences*) berguna untuk pencirian organisme dalam takson yang lebih sempit (misalnya dalam satu genus atau spesies), sehingga rRNA juga banyak dipakai untuk molekul pelacak (*probe*) dalam menentukan kelompok filogeni berdasarkan *Restriction Fragment Length Polymorphisms* (RFLP) pada gen-gen penyandi rRNA. Pencirian organisme dengan teknik tersebut biasanya disebut *Ribotyping*. Selain itu, juga dapat dilakukan amplifikasi gen 16S-rRNA melalui PCR dan selanjutnya memotong produk PCR tersebut dengan enzim restriksi tertentu, seperti *Rsal*, *Cfol*, atau *Sau3A1*. Analisis ini biasanya disebut PCR-RFLP 16S-rRNA atau *Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis* (ARDRA), dan banyak dipakai untuk melacak keragaman genetik prokariot pada suatu lingkungan tertentu tanpa perlu mengkulturkan organismenya, tetapi hanya dengan mengekstrak DNA total dari lingkungan tersebut.

Untuk pengukuran filogenetik telah digunakan 5S-rRNA namun karena ukurannya kecil (kira-kira hanya 120 nukleotida), maka informasi keragaman yang dapat diperoleh dari sekuen molekul ini sangat terbatas. Gen 16S-rRNA lebih mudah ditangani untuk keperluan praktis dan rutin di laboratorium. Oleh karena itu, molekul ini banyak dipakai untuk melacak filogeni prokariot, kloroplas, dan mitokondria. Untuk eukariot dipakai sekuen rRNA 18S yang ekuivalen dengan 16S. Sampai saat ini, sudah lebih dari 700 sekuen 16S-rRNA dan 18S-rRNA dari berbagai organisme telah digunakan untuk mengkonstruksi pohon filogeni universal. Pekerjaan ini dipelopori oleh Carl Woese dari University of Illinois, Urbana, sekitar tahun 1970-an. Sistematis dengan cara membandingkan sekuen rRNA sudah banyak dipakai oleh berbagai kelompok ahli molekuler.

PROKARIOT MENEMPATI DUA DARI TIGA DOMAIN KEHIDUPAN

Sebelum adanya sekuensing molekuler, semua bakteri diklasifikasikan dalam satu kelompok besar, prokariot, yang dianggap sangat berbeda dan sangat primitif dari eukariot. Kesalahan paling berat dan fatal yang diakibatkan oleh dikotomi prokariot-eukariot terjadi karena pada mulanya prokariot (berdasarkan sitologi) didefinisikan secara negatif terhadap eukariot. Dengan kata lain, prokariot adalah organisme yang tidak memiliki ini atau itu yang menjadi ciri sel eukariotik. Bahkan tetesan minyak dalam air bisa digolongkan prokariotik berdasarkan definisi negatif tersebut. Pakar-pakar mikrobiologi hanya menyatakan: "Jika itu bukan eukariot, maka pastilah prokariot". Untuk memahami prokariot, sudah cukup puas dengan menentukan perbedaan-perbedaan antara *Escherichia coli* dengan eukariot. Pandangan ini telah memendam pikiran kreatif untuk melihat dasar-dasar biologi secara universal. Dikotomi prokariot-eukariot telah menjadi penghalang yang memisahkan mikrobiologi prokariotik dari mikrobiologi eukariotik.

Namun pandangan mengenai sistem mikroba telah berubah drastis sejak akhir 1970-an. Sekuen rRNA terbukti menjadi kunci untuk membuka filogeni mikroorganisme. Sekuensing molekuler telah mengungkapkan penemuan yang sangat berbeda dengan pandangan terdahulu, yaitu bahwa kehidupan di bumi ini tidak dapat dibagi dalam kelompok prokariot atau eukariot saja tetapi sedikitnya ada tiga macam alur keturunan, dua di antaranya merupakan tipe bakteri (prokariot) dan yang satunya lagi tipe eukariot.

Studi komparatif sekuen rRNA dan karakteristik molekuler lainnya menunjukkan bahwa kedua kelompok prokariot tidak lebih sekerabat bila dibandingkan dengan kelompok tersebut dengan eukariot, meskipun secara sitologi keduanya "terlihat seperti bakteri". Oleh karena itu, telah diusulkan tiga Domain baru, yaitu archaea, bacteria, dan eukarya. Domain merupakan tingkat taksonomi tertinggi yang berada setingkat di atas kingdom. Penambahan takson baru ini dimaksudkan untuk menekankan pembagian *tripartite* (suatu trikotomi, bukan dikotomi), dan juga untuk menunjukkan per-

bedaan evolusi yang nyata antara bacteria dan archaea meskipun keduanya prokariotik dan "seperti bakteri". Untuk memahami perbedaan antara archaea dan bacteria, maka dapat mengambil analogi berikut: Manusia lebih sekerabat dengan ikan paus dibandingkan antara ikan paus dan ikan hiu, meskipun dari sudut morfologi ikan paus dan ikan hiu lebih mirip. Dalam situasi seperti pemakaian morfologi sebagai parameter filogeni akan menyesatkan.

Kesimpulan utama lain yang dapat ditarik dari studi sekuensing molekuler ini adalah bahwa eukariotik bukan kelompok "modern" sebagaimana pendapat yang banyak digunakan selama ini. Meskipun sel eukariotik modern yang dikenal sekarang (dengan mitokondria dan kloroplasnya) terbentuk jauh setelah diversifikasi archaea dan bacteria, namun nenek moyang nukleus (inti sel eukariot) tampaknya sudah ada pada waktu yang sama dengan nenek moyang archaea dan bacteria. Jadi, nenek moyang sel yang akhirnya melahirkan eukariot modern bisa jadi berasal dari nenek moyang universal (*universal ancestor* atau progenot) yang juga membentuk kedua kelompok prokariot (archaea dan bacteria). Berdasarkan skenario ini, paling tidak sel eukariot telah berevolusi setara archaea dan bacteria.

ARCHAEA, BACTERIA, DAN EUKARYA

Analisis sekuen rRNA menunjukkan bahwa kehidupan di bumi terdiri dari tiga kelompok garis keturunan yang berasal dari *universal ancestor* dari semua organisme hidup.

Jarak evolusi pada setiap cabang pohon filogeni universal dapat memperkirakan tingkat divergensi dari universal ancestor. Akar pohon filogeni dengan jelas memisahkan archaea dan bacteria. Dari pohon tersebut terlihat bahwa kerabat dekat archaea bukanlah bacteria, tetapi eukarya. Namun, karena cabang archaea yang paling dekat ke akar pohon, hal ini memberikan petunjuk bahwa archaea adalah yang paling primitif (kurang mengalami perubahan) di antara ketiga domain kehidupan. Eukariot modern (yang sudah membawa kloroplas dan mitokondria) merupakan kelompok yang paling baru dari rangkaian sejarah evolusi sel. Lambatnya evolusi archaea juga didukung oleh kenyataan bah-

wa banyak archaea yang menghuni lingkungan ekstrim, seperti temperatur tinggi, pH rendah, kadar garam tinggi, dan lingkungan yang mutlak anaerobik. Lingkungan ekstrim tersebut, khususnya temperatur tinggi dan anaerobiosis, mencerminkan kondisi bumi yang masih muda di mana kehidupan dimulai. Oleh karena itu, archaea dapat menjadi pelopor yang lebih andal mengenai bentuk dan fungsi awal kehidupan di bumi ini.

Gambaran filogeni tersebut juga menguak kejadian evolusi yang lain. Sebagai contoh, mitokondria telah lama diperkirakan sebagai endosimbion yang berasal dari kelompok *Proteobacteria*, termasuk di dalamnya bakteri dari genus *Agrobacterium*, *Rhodobacter*, *Rhizobium*, dan Riketsia. Sekuen rRNA menunjukkan bahwa mitokondria sangat dekat hubungannya dengan kelompok bakteri-bakteri tersebut. Hal yang juga menarik adalah bahwa *Agrobacterium*, *Rhizobium*, dan Riketsia dapat hidup secara intraselular. Karena biologi selalu terkait dengan ruang dan waktu, maka tidak terlalu berlebihan bila saat ini terjadi proses pembentukan endosimbion oleh *Rhizobium*, sebagaimana *Proteobacteria* membentuk kloroplas dan mitokondria sekitar 1-2 miliar tahun yang lalu.

Pengamatan yang lebih jauh menunjukkan bahwa kesamaan fenotipik tidak selalu berkorelasi dengan jarak evolusinya. Sebagai contoh, jarak evolusi antara bakteri ungu dan bakteri nonsulfur hijau (sama-sama bakteri gram negatif) sangat jauh, bahkan lebih jauh dibandingkan dengan jarak evolusi antara tumbuhan dengan hewan.

BIODIVERSITAS MIKROORGANISME YANG TAK TERBATAS

Pada tahun 1985 sejumlah peneliti menemukan organisme uniseluler berbentuk cerutu yang sangat besar dengan ukuran 60 x 800 µm. Ukuran sel ini sekitar sejuta kali lebih besar dari ukuran sel *Escherichia coli* dan beberapa kali lebih besar dari *Paramecium*. Para peneliti tersebut mengelompokkan organisme ini sebagai protista, golongan protozoa, yang kemudian diberi nama *Eupulopiscium fishelsoni*. Organisme ini hidup sebagai simbiosis dalam usus suatu jenis ikan yang ditemukan di Laut Merah dan di Great Barrier Reef.

Pengamatan sitologi *E. fishelsoni* menggunakan elektron mikroskop menyajikan hal luar biasa. Sel protista ini diselubungi oleh struktur semacam rambut yang mirip silia pada eukariot. Meskipun demikian, pengamatan yang lebih detil menunjukkan bahwa organisme tersebut bersifat prokariotik, sehingga tidak bisa digolongkan sebagai protista. Selain itu, *E. fishelsoni* juga tidak punya penataan mikrotubul 9+2 yang khas pada silia eukariot. Struktur siliannya lebih mirip dengan penataan flagela bakteri.

Untuk memecahkan masalah klasifikasi *E. fishelsoni*, Norman Pace dan kelompoknya di Indiana University berusaha menganalisis sekuen rRNANYA. Organisme ini ternyata tidak dapat diisolasi bebas dari sel usus inangnya. Oleh karena itu, isolasi RNANYA selalu tercampur dengan RNA dari sel inangnya. Untuk mengatasi hal ini mereka menggunakan teknik PCR dengan primer universal yang konservatif pada semua domain kehidupan. Hasil penelitian ini dipublikasikan di majalah *Nature* Vol. 362 tahun 1993.

Analisis sekuen rRNA menunjukkan bahwa *E. fishelsoni* tergolong organisme dalam domain bacteria yang sekerabat dengan *Clostridium*. Hasil penelitian tidak hanya berguna menempatkan posisi bakteri berukuran raksasa ini dalam klasifikasi filogeninya, tetapi juga memberi informasi lebih banyak dalam mengkulturkannya di laboratorium. Paling tidak, dapat dicoba menghubungkan sifat-sifat fisiologinya dengan *Clostridium* yang telah banyak dimengerti dalam hal kultivasi.

Adanya bakteri berukuran raksasa seperti *E. fishelsoni* dan eukariot mikroskopis (diameter 1 µm) seperti *Nanochlorum eukaryotum* menunjukkan bahwa ukuran sel tidak selalu dapat dipakai untuk klasifikasi filogeni. Oleh karena itu, tidak bisa lagi dikatakan semua sel atau organisme yang besar itu eukariot.

Hasil penelitian Norman Pace dan kelompoknya ini juga memaparkan keragaman yang luar biasa pada berbagai bentuk kehidupan mikroorganisme. Perkembangan biologi molekuler akhir-akhir ini telah memungkinkan orang untuk melakukan pendataan populasi mikroba sebagaimana telah lama dilakukan untuk hewan dan tumbuhan. Dengan menggunakan teknik ekstraksi DNA atau RNA langsung dari lingkungan, dapat diklasifikasi-

kan organisme yang ada dan yang hidup di lingkungannya, tetapi tidak dapat dikulturkan di laboratorium (*viable but non-culturable*). Diperkirakan hanya 1% dari seluruh mikroorganisme di alam dapat dipelajari karena dapat dibiakkan di laboratorium, sehingga perkiraan jumlah keanekaragaman mikroorganisme jauh di bawah nilai yang seharusnya. Informasi mengenai 99% mikroorganisme yang *viable but not yet-culturable* sangat penting, tidak saja untuk keperluan praktis, seperti eksplorasi senyawa bioaktif dan pemakaian jasad renik untuk kesehatan, pertanian, industri, dan lingkungan, tetapi juga untuk studi ekologi dan evolusi mikroba. Karena mikroba merupakan pemain utama di panggung sejarah kehidupan bumi, maka pengetahuan yang rinci mengenai sistematikanya akan memberi masukan yang tak ternilai dalam upaya memahami keragaman metabolismenya yang begitu banyak, yang melampaui semua keragaman metabolisme pada hewan dan tanaman.

POTENSI MIKROORGANISME DALAM BIOTEKNOLOGI

Keragaman mikroba sangat penting untuk kesehatan planet bumi dan keragaman dunia mikroba jauh lebih luas daripada keragaman hewan dan tanaman. Oleh karena itu, kita harus mempelajarinya untuk menghindari terjadinya malapetaka ekologi. Namun, karena kurang gemerlap dan kurangnya paparan mengenai dunia mikroorganisme, kebanyakan para pakar ilmu pengetahuan alam kurang memberi perhatian atau bahkan tidak menyadari peranan luar biasa dari jasad yang tak kasat mata itu terhadap bidang kehidupan manusia.

Daun-daunan yang tampak hijau dan bersih dapat mengandung sampai sepuluh miliar jasad renik per gram bobot basahnya. Jasad renik tersebut dapat terdiri dari berbagai macam bakteri, khamir, dan kapang. Sayur-sayuran yang telah dicuci dan siap disajikan sebagai lalapan juga masih membawa 1000-100.000 jasad renik per gram bobot basah sayuran yang dimakan segar. Sampai sekarang masih sangat sedikit informasi mengenai jumlah keragaman dan peranan jasad renik yang secara alami ada di permukaan daun tumbuhan terhadap kebugaran tumbuhan itu sendiri.

Meskipun buah dan sayur seringkali dilaporkan dapat mencegah terjadinya kanker usus besar (antara lain karena kandungan serat alaminya), namun belum banyak penelitian mengungkap mengenai peranan mikroorganisme sebagai bagian nutrisi dari buah atau sayuran segar terhadap kebugaran manusia.

Pengaruh jasad renik tersebut dapat berupa senyawa bioaktif yang jumlahnya sangat kecil dan tidak umum sehingga sampai saat ini belum ada yang mampu mendeteksinya, atau sel hidup mikroba itu sendiri yang mempengaruhi komposisi mikroorganisme lain di usus besar.

Berbagai jenis jasad renik juga menjadi bagian normal tubuh manusia, mulai dari permukaan kulit, lubang hidung sampai paru-paru, dan dari mulut sampai anus. Saat ini terjadi perkawinan massal bermiliar-miliar bakteri di dalam usus besar manusia. Jasad renik tersebut menghasilkan berbagai bahan nutrisi yang tidak dapat dibuat sendiri oleh sel manusia, antara lain vitamin K dan vitamin B12. Namun yang paling penting, keragaman dan jumlah jasad renik tersebut sangat mempengaruhi kebugaran manusia.

Keragaman, jumlah, dan distribusi jasad renik juga sangat menentukan kebugaran dan efisiensi produksi hewan penghasil daging, susu, dan telur. Pemakaian pakan buatan yang tidak proporsional, terutama pada ruminansia, dapat mengakibatkan perubahan komposisi jasad renik penghuni rumen sehingga mengakibatkan kematian akibat *acidosis*.

Buangan gas hewan ruminansia bersamasama dengan lahan sawah basah merupakan sumber gas metan biologi yang hanya dapat dihasilkan bakteri metanogen. Pembentukan gas metan selain dapat mempengaruhi pemanasan global atau efisiensi peruraian limbah secara anaerobik, juga menentukan efisiensi produksi ternak. Oleh karena itu, pengetahuan mengenai ekologi metanogen (bakteri pembentuk metan) dan metonotrof (bakteri pemakai metan) menjadi semakin penting bagi pakar yang bergerak di bidang produksi ternak, pengolahan limbah secara biologis, dan pemanasan global.

EKSTRIMIS DAN APLIKASI BIOTEKNOLOGI

Lingkungan dengan kondisi ekstrim yang tidak memungkinkan kehidupan organisme lain ternyata juga dapat menjadi habitat alami berbagai jasad renik. Kelompok bakteri termofilik ekstrim hidup pada suhu 100-110°C, sehingga mata air panas, kawah gunung berapi yang masih aktif, tempat pembakaran batubara, dan sumur-sumur hidrotermal di dasar laut menjadi habitat alami bakteri tersebut.

Di kelompok ekstrim yang lain adalah berbagai jenis bakteri halofilik ekstrim yang justru hanya bisa hidup pada lingkungan dengan kadar garam jenuh atau pada permukaan kristal garam yang terdapat di ladang garam.

Hydrothermal vents di dasar laut juga menjadi oasis kehidupan yang unik, yaitu kehidupan yang dapat berlangsung tanpa keterlibatan energi matahari. Kelangsungan hidup oasis laut tersebut dapat berlangsung karena aktivitas bakteri kemolitotrof yang dapat menggunakan hidrogen atau hidrogen sulfida, yang dihasilkan oleh sumur hidrotermal, sebagai sumber energinya.

Sejauh ini pengetahuan tentang kehidupan di dasar laut masih sangat sedikit, bahkan pendataan dan aplikasi bioteknologi plasma nutfah lingkungan ekstrim tersebut hanya dilakukan oleh negara tertentu, antara lain Amerika Serikat dan Jepang. Bagaimana dengan riset keragaman jasad renik laut di negara kita yang maritim ini? Jangankan mendata mikroba laut dalam, studi mengenai ekologi mikroba di tepi laut pun masih sangat sedikit, dan itupun seringkali tidak dipublikasikan. Padahal pengetahuan yang rinci mengenai keragaman, jumlah, dan distribusi jasad renik di lingkungan tersebut merupakan kunci utama untuk dapat memberikan rekomendasi yang andal terhadap penanggulangan penyakit, misalnya di tambak udang, atau terjadinya kerusakan mikrobiologis pada karang laut.

MIKROBA BANGSA?

Mikroba yang renik memang menjadi abstrak bagi kebanyakan orang awam. Oleh karena itu, mungkin dirasa cukup untuk memberikan puspa

bangsa dan satwa bangsa, tetapi mungkin tidak terpikirkan mengenai mikroba bangsa. Namun, kalau betul-betul disadari bahwa jasad renik bukan hanya aset negara yang berharga tapi juga sangat penting untuk kelestarian lingkungan bahkan kebugaran manusia, maka sudah selayaknya diberikan, yaitu perhatian serius terhadap pendidikan publik dan penelitian mengenai keragaman mikroba dan pemanfaatannya.

BAHAN BACAAN

- Angert, E.R., E.D. Clements, and N.R. Pace. 1993. The largest bacterium. *Nature* (London) 362:239-241.
- Barry, T., R. Powell, and F. Gannon. 1990. A general method to generate DNA probes for microorganisms. *Bio. Technol.* 8:233-236.
- Madigan, M.T., J.M. Martinko, and J. Parker. 1997. *Brock biology of microorganisms*. 8th Ed. Prentice-Hall, Inc., New Jersey.
- Olsen, G.J. and C.R. Woese. 1994. The winds of (evolutionary) change: Breathing new life into microbiology. *J. Bacteriol.* 176:1-6.
- Pace, N.R., D.A. Stahl, D.J. Lane, and G.J. Olsen. 1985. Analyzing natural microbial populations by rRNA sequences. *ASM News*. 51:4-12.
- Steffan, R.J. and R.M. Atlas. 1991. Polymerase chain reaction: Application in environmental microbiology. *Annu. Rev. Microbiol.* 45:137-161.
- Stetter, K.O., R. Huber, E. Blochl, M. Kurr, R.D. Eden, M. Fielder, H. Cash, and I. Vance. 1993. Hyperthermophilic archaea are thriving in deep north sea and Alaskan oil reservoirs. *Nature* (London) 365:743-745.
- Wheelis, M.L., O. Kandler, and C.R. Woese. 1992. On the nature of global classification. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 89:2930-2934.
- Woese, C.R. 1987. Bacterial evolution. *Microbiol. Rev.* 51: 221-271.
- Woese, C.R., O. Kandler, and M.L. Wheelies. 1990. Toward a natural systems of organisms: Proposal for the domains archaea, bacteria, and eucarya. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 87:4576-4579.